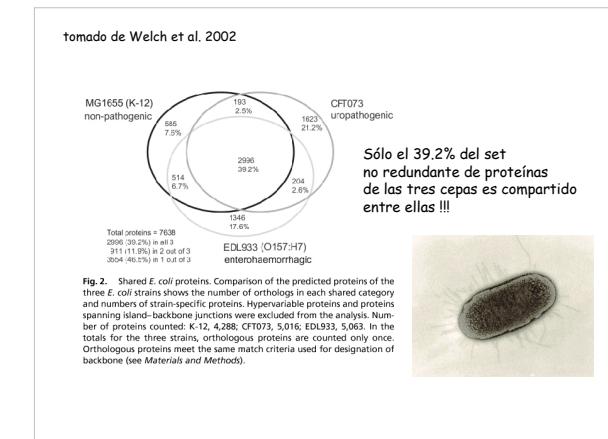
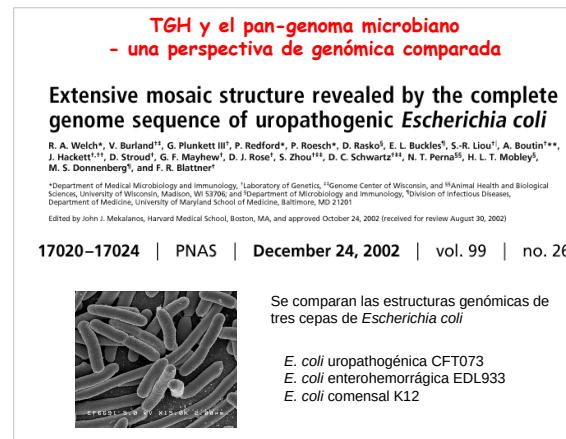
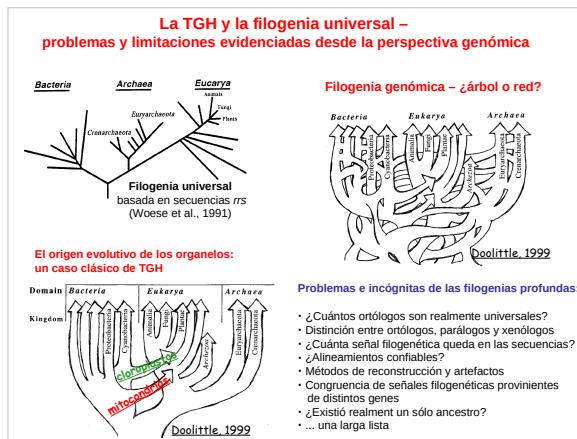
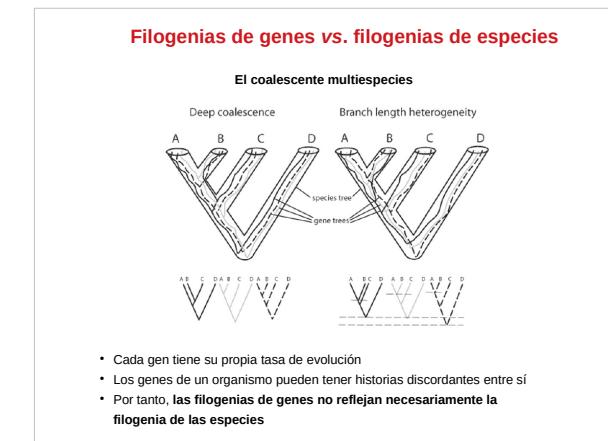
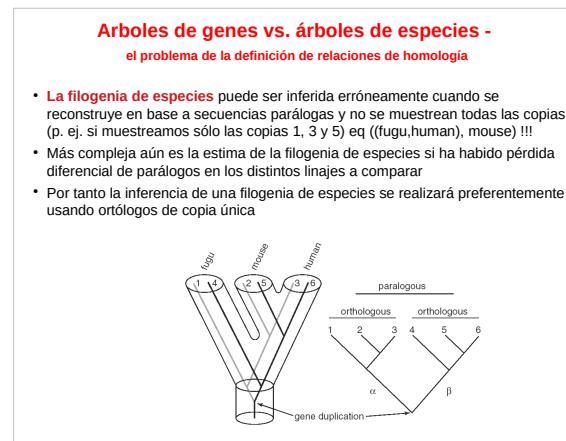
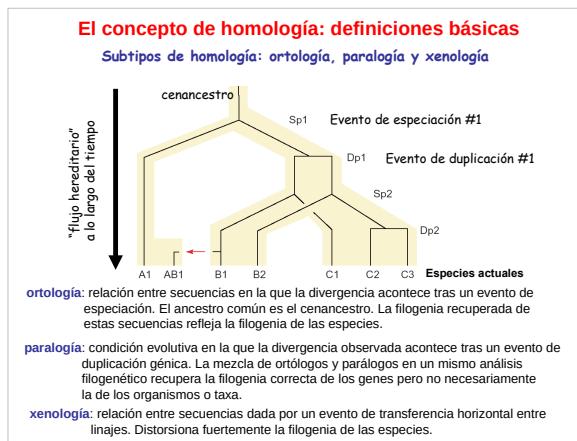


Tema 1: Conceptos básicos de evolución molecular y genómica microbiana

Introducción a la filoinformática – pan-genómica y filogenómica microbiana, TIB2022, 1-5 Agosto, 2022
CCG-UNAM, Cuernavaca, Mor. México
<https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>



Tema 1: Conceptos básicos de evolución molecular y genómica microbiana

Introducción a la filoinformática – pan-genómica y filogenómica microbiana, TIB2022, 1-5 Agosto, 2022
CCG-UNAM, Cuernavaca, Mor. México
<https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>

tomado de Welch et al. 2002

Islands and evidences for their horizontal transfer

-85% (52 out of 61) of island codons have a significantly different codon usage vs. backbone

-EDL and CFT share only 10% of island genes, but >98% identity among backbone encoded proteins in the 3-strain comparison

-CFT and EDL strains contain 60 and 57 islands >4 kb, most of them at the same relative positions with respect to backbone markers, although island contents are unrelated

- 12 CFT073 and 10 EDL933 islands are closely associated to tRNA genes

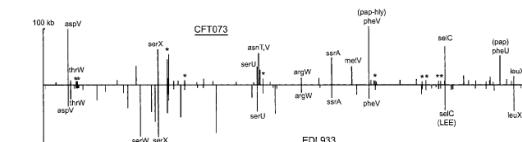


Fig. 3. Locations and sizes of CFT073 and EDL933 islands. Island size, vertical axis; position in colinear backbone, horizontal axis. All islands >4 kb are shown. Islands located at tRNAs are indicated by tRNA labels. One tRNA (serA) is also an insertion target. *, CFT073 and EDL933 islands in the same backbone location but not near tRNAs.

Corolario:

A la luz de estos resultados queda evidenciado que ha de ejercerse un gran cuidado a la hora de seleccionar genes para la reconstrucción de filogenias de especies bacterias.

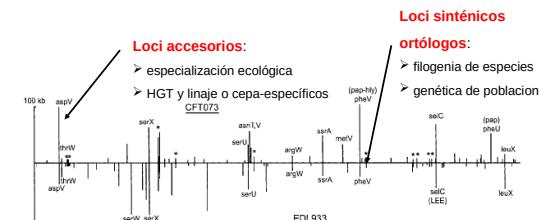
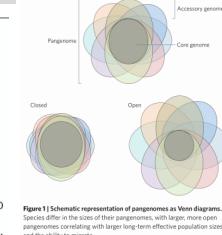
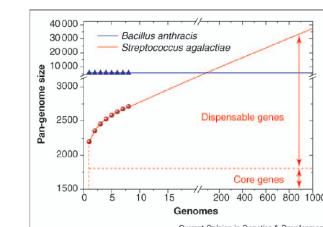


Fig. 3. Locations and sizes of CFT073 and EDL933 islands. Island size, vertical axis; position in colinear backbone, horizontal axis. All islands >4 kb are shown. Islands located at tRNAs are indicated by tRNA labels. One tRNA (ssrA) is also an insertion target. *, CFT073 and EDL933 islands in the same backbone location but not near tRNAs.

El pangenoma microbiano: pangenomas abiertos y cerrados genoma core y acceso

The microbial pan-genome
Duccio Medini¹, Claudio Donati¹, Hervé Tettelin², Vega Masignani¹ and Rino Rappuoli¹

Current Opinion in Genetics & Development 2005, 15:589-594



McInerney et al. 2017 Nat. Micro.

Inferencia filogenética: los detalles (básicos)

Datos moleculares en filogenética: tasas y restricciones evolutivas

El protocolo básico para un análisis filogenético de secuencias moleculares

Determinación de homología entre múltiples secuencias: slineamientos múltiples

Clasificación de métodos filogenéticos

Tipos de árboles filogenéticos y su "anatomía"

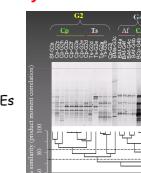
Evolución de caracteres

Marcadores moleculares usados en filogenética y evolución molecular

Polimorfismos de DNA y proteínas

I) Marcadores dominantes (= secuencias)

- RFLPs
- Fingerprints genómicos (AFLPs, RAPDs, Rep-PCR, SINES, SSRPs, NSNPs ...)
- Análisis multilocus de isoenzimas
- etc ...



Los datos moleculares revelan información genética. Sólo datos con una base genética son de interés en filogenética y evolución. De ahí que los marcadores moleculares son generalmente los favorizados para hacer inferencias filogenéticas y evolutivas a distintos niveles taxonómicos.

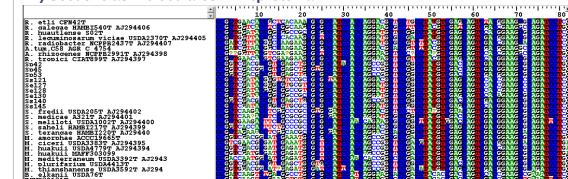
Los caracteres fenotípicos muchas veces tienen una base genética menos clara y están gobernados por las interacciones de muchos genes con el ambiente. Muchos fenotipos presentan gran plasticidad, es decir, que un mismo genotipo puede presentar una gradación de fenotipos. Esta variación fenotípica puede confundir las verdaderas relaciones filogenéticas y determinación de parentescos.

El uso de protocolos de PCR permite acceder a todo el mundo biológico para scrutinios genéticos

Los métodos moleculares permiten una fácil y robusta distinción entre homología y analogía y permiten hacer comparaciones de divergencia evolutiva usando métricos universales

Marcadores moleculares usados en filogenética y evolución molecular

II) Secuencias moleculares DNA/proteína



• La premisa fundamental en evol. molec. es que en dichas secuencias se encuentra escrita una buena parte de su historia evolutiva.

• Secuencias de DNA representan el "nível anatómico" más fino de un organismo

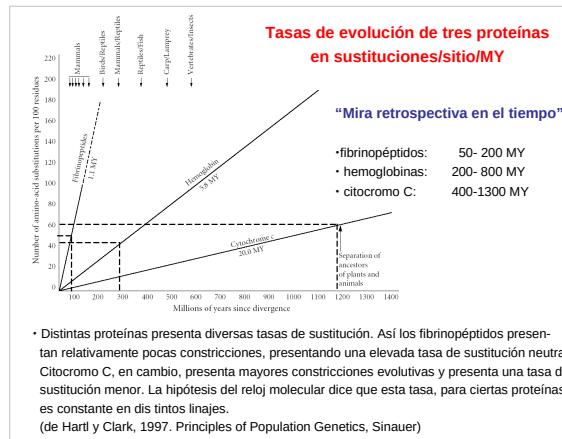
• Buena parte de la biología moderna tiene por objetivo revelar la información contenida en secuencias moleculares

• Para inferir la historia de relaciones de ancestría entre un conjunto de secuencias homólogas hemos de determinar las correspondencias de homología entre los caracteres haciendo un alineamiento múltiple de las secuencias

Tema 1: Conceptos básicos de evolución molecular y genómica microbiana

Introducción a la filoinformática – pan-genómica y
filogenómica microbiana, TIB2022, 1-5 Agosto, 2022
CCG-UNAM, Cuernavaca, Mor. México
<https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>

- Selección de marcadores adecuados para hacer inferencias evolutivas a distintos niveles de profundidad filogenética
- Restricciones funcionales vs. tasas de sustitución:
 - Existe gran variabilidad en la tasa de sustitución entre genes y dominios génicos:
 - intrones vs. exones
 - regiones codificadoras vs. regiones intergénicas o pseudogenes
 - residuos catalíticos vs. no catalíticos, dominios estructurales vs. no estructurales
 - 3as. posiciones vs. 1as y 2as en codones de secuencias codificadoras,
 - asas vs. orquíllas en rRNAs y tRNAs ...
 - Existen genes de evolución muy rápida o muy lenta:
 - fibrinopéptidos evolucionan una tasa $x900$ > a la de ubiquitina y $\times 20$ > citocromo C
 - genes de HIV evolucionan a $\times 10^6$ veces la tasa de un gen humano promedio!
 - Tasas de evolución y la teoría neutral de evolución molecular:
 - el reloj molecular, calibración y datación de eventos de especiación/extinción de linajes y de pandemias ...



Aplicaciones y predicciones filogenéticas (I)

- Elucidación del árbol universal, sistemática bacteriana y la identificación/clasificación de microorganismos ambientales (cultivables y NO CULTIVABLES > 90-99%)

rRNA: un marcador lento

Prokaryotes: carecen de núcleo y orgánulos

Archaea

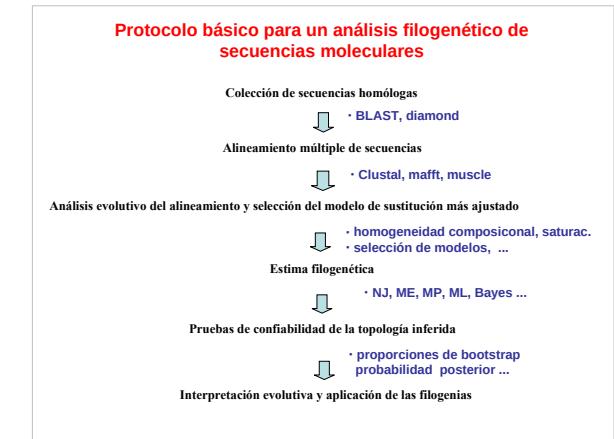
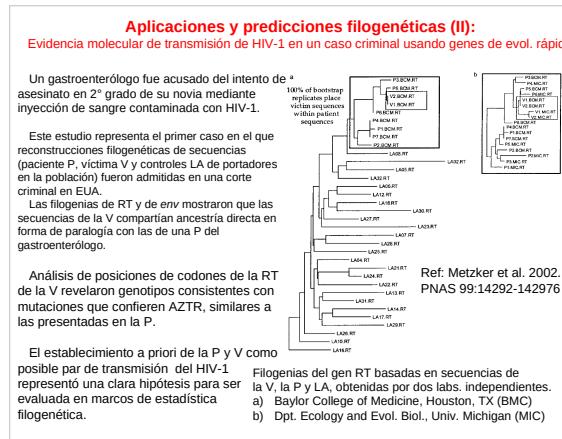
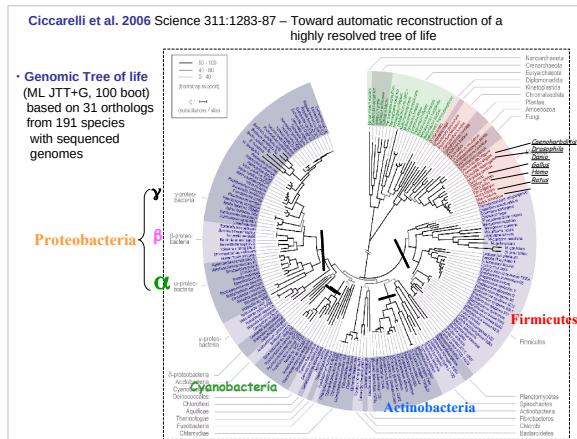
Bacteria

Eucariotas: células nucleadas y con orgánulos

Biología clásica*

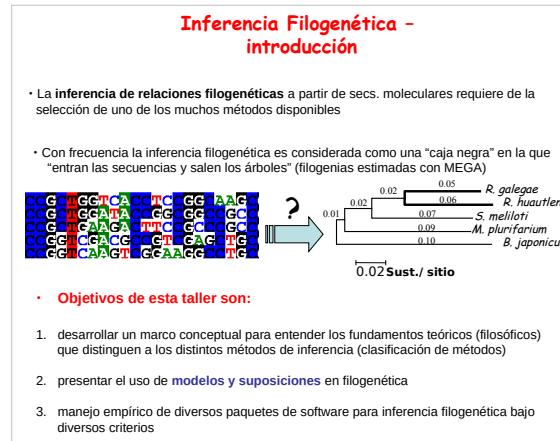
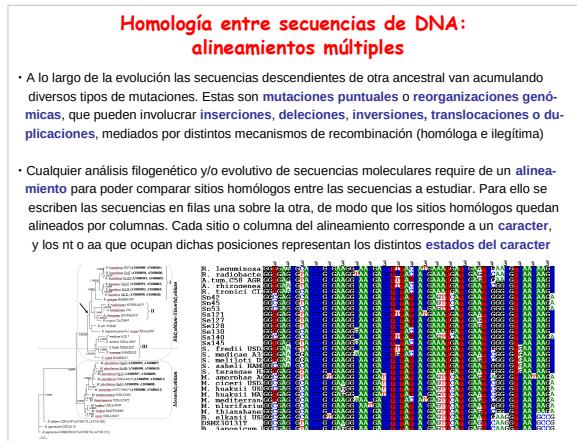
0.1 changes per site

Bacteria: peptidoglicano; lípidos de membrana son ésteres de glicerol; RNA pol. 4 subunidades; formilmetionina como aa de inicio ...
Archaea: pseudo peptidoglicano; lípidos de membrana son ésteres de glicerol; RNA pol. 28 subunidades; metionina como aa de inicio ...



Tema 1: Conceptos básicos de evolución molecular y genómica microbiana

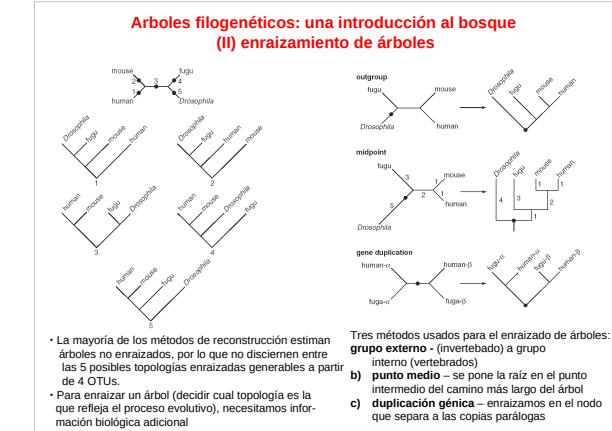
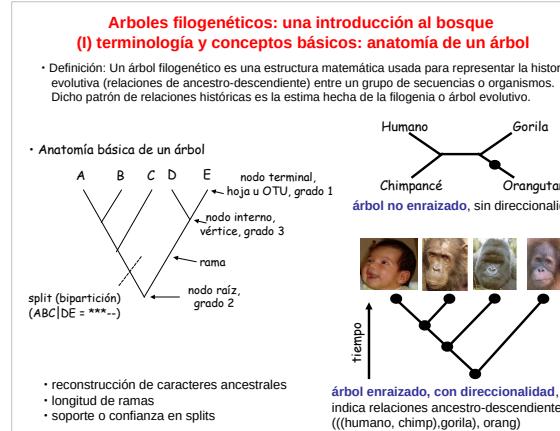
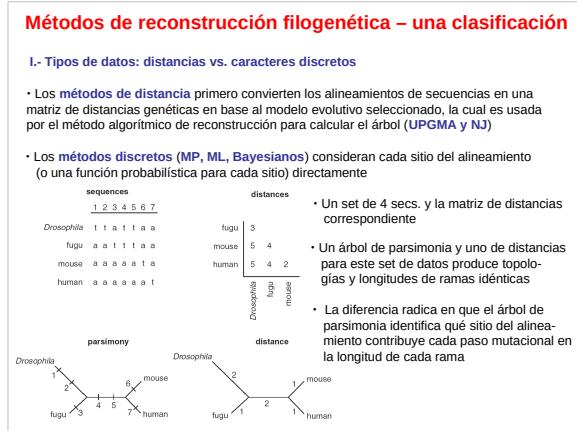
Introducción a la filoinformática – pan-genómica y filogenómica microbiana, TIB2022, 1-5 Agosto, 2022
CCG-UNAM, Cuernavaca, Mor. México
<https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>



Inferencia filogenética molecular – clasificación de métodos

Podemos clasificar a los métodos de reconstrucción filogenética en base al **tipo de datos** que emplean (**caracteres discretos vs. distancias**) y si usan un **método algorítmico** o un **criterio de optimización** para encontrar la topología

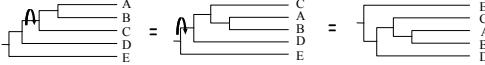
Método de reconstrucción	distancias	caracteres discretos
algoritmo de agrupamiento	UPGMA Neighbour joining	X
criterio de optimización	Máxima parsimonia Evolución mínima	Máxima verosimilitud



Tema 1: Conceptos básicos de evolución molecular y genómica microbiana

Introducción a la filoinformática – pan-genómica y filogenómica microbiana, TIB2022, 1-5 Agosto, 2022
CCG-UNAM, Cuernavaca, Mor. México
<https://github.com/vinuesa/TIB-filoinfo>

Arboles filogenéticos: una introducción al bosque (III) terminología y conceptos básicos

- Los árboles son como móviles: las ramas pueden rotarse sobre sí mismas sin afectar a las relaciones entre los OTUs; $((A,B),C,D,E)$ se puede representar como:
- Los árboles presentan distintos grados de resolución
 - topología estrella
 - topología parcialmente resuelta
 - topología totalmente resuelta